REVISTA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS 29(2) : 67 - 80. 2012
ISSN Impreso 0120-0135

CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES EN 81 GENOTIPOS DE TOMATE DE ÁRBOL (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.)

GENOTYPIC, PHENOTYPIC AND ENVIRONMENTAL CORRELATIONS IN 81 GENOTYPES OF TOMATO TREE (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.)

David Esteban Duarte A.[1], Tulio Cesar Lagos B.[2], Liz Katherine Lagos S.[3]

Fecha de recepción: Marzo 15 de 2011 Fecha de aceptación: Noviembre 25 de 2011

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue evaluar diferentes componentes de calidad de fruto,estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientalesdel tomate de árbol (*Cyphomandra betacea*) considerando 14 variables relacionadas con el tamaño y calidad del fruto, igualmente, establecer los efectos directos e indirectos de las variables componentes de calidad de fruto sobre el peso del fruto. Se utilizaron los datos de 81 híbridos con dos repeticiones, en condiciones del Municipio de Pasto, Colombia. Los resultados obtenidos, indicaron que las correlaciones genotípicas fueron superiores a las fenotípicas y ambientales.El peso de fruto (PF), presentó las mayores correlaciones genéticas (rG >0,60) con peso de pulpa mas semilla (rG = 0,90), y el diámetro ecuatorial (rG = 0,84). El análisis de sendero con base en correlaciones genotípicas, mostró que el espesor interno fue la variable que tuvo el mayor efecto directo sobre PF (1,63), esto demuestra que una selección por peso de fruto da como resultado un aumento en el espesor interno. Teniendo en cuenta las correlaciones fenotípicas, este análisis permitió establecer que los efectos directos de diámetro ecuatorial y diámetro polar (0,30 y 0,26) son los que más aportan al PF.

Palabras clave: análisis de sendero, efectos directos, efectos indirectos

[1] Ingeniero Agrónomo. Facultad de Ciencias Agrícolas. Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. david890223@hotmail.com.
[2] Profesor Asociado I. A. Ph. D. Facultad de Ciencias Agrícolas. Universidad de Nariño, Pasto, Colombia. tclagos@udenar.com
[3] Investigadora Grupo en Producción de Frutales Andinos I. A. M.Sc. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, Palmira, Colombia. lklagoss@unal.edu.co

ABSTRACT

This research was carried out to evaluate different components of fruit quality, to estimate phenotypic, genetic and environmental correlations in tree tomato (*Cyphomandra betacea*), considering 14 variables related to fruit size and quality, and to establish direct and indirect effects of traits related to fruit weight. Data of 81 hybrids with two replications were taken account of, in the municipality of Pasto, Colombia. The results indicated that genotypic correlations were higher than phenotypic and environmental ones. Fruit weight (FW) showed the highest genetic correlations (rG 0.60), with more pulp and seed weight (rG 0 0.90) and equatorial diameter (rG = 0.84). Path analysis based on genotypic correlations showed that internal thickness (EI) was the variable that had the greatest direct effect(1.63) demonstrating that a selection on the basis of fruit weight will result in an increase of the internal thickness. Taking into account the phenotypic correlations, it was established by analysis that the direct effects of equatorial diameter(DE) and polar diameter (DP), (0.30) and (0.26) respectively are the major contributors to fruit weight (PF).

Key words: path analysis, direct effects, indirect effects.

INTRODUCCIÓN

El tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.) esun frutal muy importante para la zona andina de Colombia. Comenzó a tomar un gran auge debido al alto consumo como fruta fresca, como materia prima para la industria y al alto contenido de vitaminas y demás compuestos que ayudan a prevenir enfermedades. Este cultivo genera 642 jornales/ha, lo que significa que una hectárea requiere de 0,89 personas trabajando 261 días al año; es decir, se necesita cultivar 1,23 ha para generar un empleo permanente por año (Agrocadenas, 2008).

Pese a la demanda creciente no ha logrado desarrollarse. Una de las causas es la oferta nula o escasa de cultivares mejorados para la siembra. En la mayoría de los casos, la plantación se lleva a cabo con genotipos seleccionados por los propios productores, los cuales son muy heterogéneos con una base genética estrecha (Lobo, 2001).

El fitomejoramiento es una alternativa clave para el desarrollo de materiales genéticos mejorados con resistencia a plagas y enfermedades y de calidad superior (Lentini, 2001).

Las asociaciones entre los caracteres de interés en fitomejoramiento se evalúan por medio de correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales. La correlación fenotípica es estimada directamente de los valores medios fenotípicos de campo, siendo resultante, por tanto, de causas genéticas y ambientales. La correlación genotípica, en cambio, corresponde, a la porción genética de la correlación fenotípica. Esta es empleada para orientar programas de mejoramiento por ser la única de naturaleza heredable (Cruz, 2001; Cruz y Regazzi, 1997; Falconer y Mackay, 1996; Vencovsky y Barriga, 1992; Mariotti, 1986; Hallauer y Miranda, 1981).

Falconer y Mackay (1996), Cruz y Regazzi (1997) señalan que los coeficientes de correlación, a pesar de ser de gran utilidad en la cuantificación de la magnitud y dirección de las influencias de factores en la determinación de caracteres complejos, no dan una exacta importancia relativa de los efectos directos e

indirectos de esos factores. La solución a este problema, se logra con el análisis de sendero.

Para entender mejor las causas entre las asociaciones entre caracteres, Wright (1921) propuso el análisis de sendero que desdobla las correlaciones estimadas en efectos directos e indirectos de caracteres sobre una variable básica. Los análisis han sido aplicados, en varias solanaceas como en pimentón *Capsicum annuum* (De Carvalho *et al.* 1999) y berenjena *Solanum melongena* (Ingale y Patil, 1995; Aramendiz *et al.*, 2008).

A pesar que el análisis de correlación es una herramienta estadística que mide el grado de asociación entre dos caracteres bajo una condición experimental dada, su descomposición es dependiente del conjunto de caracteres estudiados, las cuales, normalmente, son evaluadas por el conocimiento previo del investigador, con base en su importancia y las posibles interrelaciones expresadas anteriormente (Falconer y Mackay, 1996; Cruz y Regazzi, 1997; Vencovsky y Barriga, 1992).

La literatura colombiana sobre mejoramiento genético de tomate de árbol, no reporta estudios sobre análisis de correlaciones y de sendero para las propiedades del fruto, que contribuyan al proceso de selección y mejoramiento de la especie, en función de satisfacer las demandas de productores y el sector agroindustrial.

Este trabajo de investigación es una contribución a los procesos de selección, que permite obtener las bases conceptuales sobre las correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales en variables relacionadas con el fruto de tomate de árbol *C. betacea*. Acorde con lo anterior, los objetivos fueron los siguientes: evaluar los diferentes componentes de calidad del fruto en 81 genotipos de tomate de árbol (72 híbridos y nueve testigos), estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales entre 14 variables asociadas a la calidad de fruto, y establecer la relación causa y efecto entre el peso del fruto en función de diámetro ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas semilla (PuS), contenido de jugo (CJ), peso de semilla de fruto (PSFu), número total de semilla (NTS) y dureza (Du) a través del análisis de sendero, utilizando las correlaciones fenotípicas y genéticas entre tales componentes.

MATERIALES Y MÉTODOS

Localización. El lote de cruzamientos se ubicó en el Corregimiento de La Caldera, municipio de Pasto, localizado a 1910 msnm, cuyas coordenadas son 1°17´35,1´´LN y 77°09´21,33´´LW, con una temperatura promedio de 19°C. Se estableció, en la localidad de la Pradera-Nariño el ensayo de evaluación de 72 híbridos y nueve testigos de tomate de árbol, se ubica a una altura de 1980 msnm, entre los 01°19’33,3”LN y los 77°19’18,9”LW, con una temperatura promedio de 18°C. De este ensayo, se tomaron los frutos que fueron procesados en el Laboratorio de biotecnología de la Universidad de Nariño, localizado en la Ciudad Universitaria Torobajo (Pasto) a 2540 msnm, 01° 12’13”LN y 77° 15’23”LW.

Variables evaluadas. Para medir las variables relacionadas con la calidad de fruto de cada parcela se tomaron seis frutos en estado de maduración entre 4 y 5, según la norma ICONTEC NTC 4105 (1997). Por cada genotipo se colectaron en la cuarta cosecha(cuando las plantas estaban en plena fase productiva) y se evaluaron las siguientes variables:

Peso promedio del fruto (PF). Se obtuvo el promedio de PF en g de frutos por parcela.

Diámetro ecuatorial (DE). Es la medida en mm del eje transversal del fruto, tomada so-

bre la base proximal. Para el cálculo de esta variable se tomaron frutos por genotipo.

Diámetro polar (DP). Es la longitud en mm, tomada desde la base proximal hasta el ápice del fruto. Esta medición se realizó sobre frutos por genotipo.

Espesor interno(EI). Se realizó un corte transversal y con la ayuda de un calibrador se obtuvo la medida en mm del endocarpio del fruto en mm.

Espesor externo (EEX). A través del corte transversal en cada uno de los frutos y mediante la ayuda de un calibrador se obtuvo la medida en mm del mesocarpio más pericarpio.

Peso de la pulpa más semilla (PUS). La extracción de la pulpa de cada uno de los frutos se realizó de forma manual y se obtuvo el peso en gramos.

Contenido de jugo (CJ). Una vez pesada la pulpa de cada tomate se extrajo el jugo y se midió su contenido en ml en una probeta.

Peso de semilla por fruto (PSFU). Después de la extracción del jugo con ayuda del colador, se procedió a lavar y limpiar la semilla de impurezas. Secándose a temperatura ambiente durante siete días para pesarla.

Número total de semillas por fruto (NTS). El NTS es la relación entre PSFU y peso de 100 semillas correspondiente a cada genotipo.

Dureza (DU). Con la ayuda de un penetrómetro manual para frutas. Se midió la dureza del fruto expresada en libras por pulgada cuadrada ($lb.cm^{-2}$).

Sólidos solubles totales (Bx). Se determinó con el refractómetro "Atago de bolsillo PAL-1". Se expresa en grados Brix (BX). La lectura se corrigió utilizando el porcentaje de ácido cítrico (A.C), mediante la ecuación: Bx =0,194×A. C+S.S.T, donde SST corresponde a sólidos solubles totales.

Acidez Titulable (A.C). Se determinó por el método de titulación potenciométrica. Se expresa como porcentaje de A.C y se calculó mediante la siguiente ecuación:

$$\%A.C = ((V1 \times N)/V2)) \times K \times 100.$$

Donde: V1 = Volumen de NaOH consumido (mL); V2 = Volumen de la muestra (5 mL);
K= peso equivalente del ácido cítrico (0,064 g/meq) y N = normalidad del NaOH ($0,1\ meq.mL^{-1}$).

Índice de madurez. Se tuvo en cuenta la relación entre el contenido de sólidos solubles y la acidez total (Galvis, 1992), mediante la ecuación: IM = SST / acidez, dondeIM= índice de madurez.

pH. Se calculó usando un potenciómetro "Inolab-WTW series pH 720".

Formación de los híbridos F1. En el segundo semestre del año 2008, se sembraron diez plantas de cada una de las 48 introducciones (con distancias de 2,5 x 2,5 m) de Tomate de árbol (Tab.1) en el corregimiento de la Caldera, municipio de Pasto, recolectadas en diferentes regiones del país y del Ecuador mostrados en la Tabla de pasaporte (Tab.2). Estas introducciones provienen de diferentes regiones del país y del Ecuador, con las cuales se realizaron los cruzamientos dialélicos circulantes de acuerdo con la metodología propuesta por Kempthorne y Curnow (1961), que consiste en establecer una matriz simétrica circulante, la cual lleva en la diagonal el valor de S del dialelo parcial circulante en este caso tres (3), los cruzamientos muestreados llevan al valor de uno (1) y los otros elementos toman el valor de cero (0). Bajo este esquema, se obtuvieron 72 híbridos, en donde cada parental participó en tres cruzamientos (ns/2= (48x3)/2=72).

Tabla 1. Parentales de tomate de árbol utilizados en el cruzamiento dialélico circulante parcial.

Cruzamiento	Padre 1	Padre 2	Cruzamiento	Padre 1	Padre 2
1x24	CBcon74	CBl79	13x36	CBc12	CBb73
1x25	CBcon74	CBc039	13x37	CBc12	CBf89
1x26	CBcon74	CBb75	13x38	CBc12	CBu86
2x25	CBa09	CBc039	14x37	CBp25	CBf89
2x26	CBa09	CBb75	14x38	CBp25	CBu86
2x27	CBa09	CBg70	14x39	CBp25	CBsj38
3x26	CBb03	CBb75	15x38	CBb08	CBu86
3x27	CBb03	CBg70	15x39	CBb08	CBsj38
3x28	CBb03	CBu88	15x40	CBb08	CBc046
4x27	CBc044	CBg70	16x39	CBc93	CBsj38
4x28	CBc044	CBu88	16x40	CBc93	CBc046
4x29	CBc044	CBsj35	16x41	CBc93	CBu65
5x28	CBi49	CBu88	17x40	CBc042	CBco46
5x29	CBi49	CBsj35	17x41	CBco42	CBu65
5x30	CBi49	CBi50	17x42	CBc042	CBcon34
6x29	CBi51	CBsj35	18x41	CBsj36	CBu65
6x30	CBi51	CBi50	18x42	CBsj36	CBcon34
6x31	CBi51	CBl78	18x43	CBsj36	CBu87
7x30	CBl81	CBi50	19x42	CBcon33	CBcon34
7x31	CBl81	CBl78	19x43	CBcon33	CBu87
7x32	CBl81	CBsj37	19x44	CBcon33	CBu94
8x31	CBunt1305	CBl78	20x43	CBp19	CBu87
8x32	CBunt1305	CBsj37	20x44	CBp19	CBu94
8x33	CBunt1305	CBc15	20x45	CBp19	CBc95
9x32	CBb04	CBsj37	21x44	CBc11	CBu94
9x33	CBb04	CBc15	21x45	CBc11	CBc95
9x34	CBb04	CBc040	21x46	CBc11	CBl77
10x33	CBc14	Cbc15	22x45	CBb06	CBc95
10x34	CBc14	CBco40	22x46	CBb06	CBl77
10x35	CBc14	CBu84	22x47	CBb06	CBc041
11x34	CBb02	CBco40	23x46	CBu82	CBl77
11x35	CBb02	CBu84	23x47	CBu82	CBco41
11x36	CBb02	CBb73	23x48	CBu82	CBb01
12x35	CBl80	CBu84	24x47	CBl79	CBco41
12x36	CBl80	CBb73	24x48	CBl79	CBb01
12x37	CBl80	CBf89	25x48	CBc039	CBb01

Tabla 2. Datos de pasaporte para los parentales de tomate de árbol *Cyphomandra betaceae* Cav. Sendt.

Accesión	Colecta	Lugar	ASNM	Latitud	Longitud
CBa09	28/02/2009	La Cocha	2040	1º31´26.4”	77º06´11.9”
CBb01	27/02/2009	Pajajoy	2100	1º8´7.05”	77º10´52.2”
CBb03	27/02/2009	Pajajoy	2159	1º21´55.58”	77º10´56.4”
CBb04	27/02/2009	Veracruz	2073	1º21´56.3”	77º09´50”
CBb06	27/02/2009	El Bado	2109	1º19´41”	7º09´1.3”
CBb08	27/02/2009	Buesaco	2029	1º22´16,2”	77º09´33.3”
CBb73	28/02/2009	Buesaco	2030	1º22´16,2”	77º09´33.3”
CBb75	01/03/2009	Buesaco	2031	1º22´16,2”	77º09´33.3”
CBc11	28/02/2009	Rinconada	2112	1º30´29.8”	77º06´40.08”
CBc12	28/02/2009	Rinconada	2112	1º30´29.51”	77º06´40.15”
CBc14	28/02/2009	Botanilla	2125	1º30´36.8”	77º06´32.9”
CBc15	28/02/2009	Botanilla	2132	1º31´1.2”	77º05´46.6”
CBc16	01/03/2009	Botanilla	2133	1º31´1.2”	77º05´46.6”
CBc17	02/03/2009	Botanilla	2134	1º31´1.2”	77º05´46.6”
CBco39	27/02/2009	Chair	2556	00º51´51,1”	77º33´14,7”
CBco40	27/02/2009	El Mirador	2730	00º´52”31	77º32´56,8”
CBco41	27/02/2009	El Mirador	2703	00º52´23”	77º33´3,8”
CBco42	27/02/2009	El Mirador	2703	00º51´48,2”	77º33´14,2”
CBco44	27/02/2009	Chair	2602	00º51´40,9”	77º33´22,3”
CBco46	28/02/2009	Cordoba	2580	00º50´8,2”	77º33´13,7”
CBcon33	27/02/2009	Providencia	2391	00º54´32.8”	77º31´50.6”
CBcon34	27/02/2009	Providencia	2391	00º54´32.8”	77º31´50.6”
CBcon35	28/02/2009	Providencia	2392	00º54´32.8”	77º31´50.6”
CBf89	04/03/2009	La Florida	2281	1º18´20,82”	77º24´10,23”
CBg70	06/03/2009	Guaitarilla	2631	1º7´55,59”	77º32´57,60”
CBi49	28/02/2009	Ipiales	2938	00º50´48,1”	77º33´16,1”
CBi50	28/02/2009	Ipiales	2938	00º50´48,1”	77º33´16,1”
CBi51	28/02/2009	Ipiales	2938	00º50´48,1”	77º33´16,1”
CBl77	16/02/2009	San Lorenzo	2411	1º30´20,48”	77º12´10,45”
CBl78	17/02/2009	San Lorenzo	2164	1º30´7,68”	77º12´40,06”
Cbl79	18/02/2009	San Lorenzo	1918	1º30´20,64”	77º13´16,10”
Cbl80	19/02/2009	San Lorenzo	2045	1º30´20,93”	77º12´58,01”
CBl81	20/02/2009	San Lorenzo	2000	1º30´24,39”	77º13´4,56”
CBp19	27/02/2009	La Caldera	2066	1º19´58”	77º20´29,6”
CBp24	27/02/2009	Pasto	2660	1º08´42,7”	77º16´40,6”
CBsj35	27/02/2009	El Rosal	2532	00º53´14”	77º33´23.8”
CBsj36	27/02/2009	Chair	2432	00º52´57”	77º32´5”
CBsj37	27/02/2009	Chair	2526	00º52´21,5”	77º33´23,9”
CBsj38	27/02/2009	Chair	2525	00º52´21,7”	77º33´23,4”
CBu65	08/03/2009	La Unión	1647	1º35´53,97”	77º07´59,97”
Cbu82	09/03/2009	La Unión	1656	1º35´49,35”	77º07´43,83”
CBu84	10/03/2009	La Unión	1676	1º35´41,59”	77º07´34,55”
CBu86	11/03/2009	La Unión	1672	1º35´41,62”	77º07´25,38”
CBu87	11/03/2009	La Unión	1630	1º35´55,62”	77º07´30,17”
CBu88	11/03/2009	La Unión	1663	1º35´47,77”	77º07´49,92”
CBu94	11/03/2009	La Unión	1699	1º35´36,87”	77º07´52,8”
CBunt1305	21/02/2009	Ecuador	2183	0°51¨48,18”	78°14´57,92”

Análisis Estadístico. Todas las variables bajo un diseño de bloques completos al azar, se sometieron al Análisis de Varianza (ANDEVA). Aquellas donde el efecto de genotipos no fue significativo, no se tomaron en cuenta en los análisis de correlación genética, fenotípica y ambiental, incluyéndose para éstos, las variables PF, DE, DP, EI, PUS, CJ, PSFU, NTS y DU.

Se hicieron grupos de las variables altamente correlacionadas (r >0,60), escogiéndose para el análisis y la discusión del ANDEVA las variables PF, DE, CJ, NTS y BX. En donde los efectos de tratamientos fueron significativos, se utilizó la prueba de comparación de medias de Tukey (α = 0,05) cuando el efecto de los tratamientos fue significativo. Para la estimación de los coeficientes de correlación fenotípicos, genéticos y ambientales, los coeficientes de sendero se aplicaron las fórmulas clásicas de correlación:

Correlación fenotípica (rF(XY)): rF(XY) = COVF(XY)/SF(X).SF(Y)
Correlación genética (rG(XY)); rG(XY) = COVG(XY)/SG(X) .SG(Y)
Correlación ambiental (rE(XY)); rE(XY) = COVE(XY)/SE(X) .SE(Y)

En donde: r(XY) y COV(XY) son las correlaciones y covarianzas fenotípicas (rF), genéticas (rG) y ambientales (rE) entre los caracteres X e Y, respectivamente; S(x) y S(y) son las desviaciones estándar fenotípicas, genéticas y ambientales de X e Y, en su orden. Para este análisis se utilizó el programa GENES desarrollado por Cruz (2006).

Una vez estimados los coeficientes de correlación se confirmó la significancia estadística para cada coeficiente de correlación (r), planteando la hipótesis nula: Ho: r=0versus la hipótesis alterna Ha: r≠0, mediante una prueba de T, dada por $Tc = r \times (n-2)^{1/2}/(1-r^2)^{1/2}$. La T calculada (Tc) se comparó con una T tabular (Tt), al nivel de significancia de 0,05 y con (n – 2) grados de libertad. La regla de decisión fue: sí Tc ≥ Tt, entonces el valor de r es estadísticamente diferente de cero (Espitia *et al*., 2008).

Se realizaron dos análisis de sendero para el sistema: PF como variable efecto (Y) en función delas variables causa: DE (X1), DP (X2), EI (X3), PUS (X4), CJ (X5), PSFU (X6), NTS (X7) y DU (X8), uno empleando la matriz de correlaciones fenotípicas y el otro con base en el uso de la matriz de correlaciones genéticas entre tales variables (ambas matrices las origina automáticamente el programa GENES Versión 2006 en el procedimiento para el análisis de varianza factorial combinado genotipo por ambiente).

Para estimar los efectos directos en cada uno de los análisis, GENES Versión 2006 utiliza una matriz de correlaciones (fenotípica o genética: dependiendo del interés), la descompone y organiza en el siguiente sistema de matrices: $P = A^{-1}. R$; en donde: A^{-1} es la inversa de la matriz de correlaciones (entre cada una de las variables causa), R es el vector de coeficientes de correlaciones entre las variables causa con la variable efecto; y P es el vector de coeficientes de sendero (Espitia *et al*., 2008).

La descomposición de los coeficientes de correlación de cada una de las variables causa con la variable efecto (rXiY), en sus componentes efecto directo (Pi) y efecto indirecto (Ei), permite, mediante el despeje de las siguientes ecuaciones, estimar los respectivos efectos indirectos de cada variable causa (Ei):

rX1Y = P1 + E1 : para DE
rX2Y = P2 + E2 : para DP
rX3Y = P3 + E3 : para EI
rX4Y = P4 + E4 : para PUS
rX5Y = P5 + E5 : para CJ
rX6Y = P6 + E6 : para PSFU
rXY7Y = P7 + E7 : para NTS
rXY8Y = P8 + E8 : para DU

El coeficiente de sendero debido a los efectos residuales o debido a otras variables no consideradas en el estudio (h), se estima mediante la siguiente ecuación:

$$h = [1 - (P1.rX1Y) - (P2.rX2Y) - (P3.rX3Y) - (P4.rX4Y)]^{½}.$$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del Análisis de varianza se presentan en la Tab.3. Se observan diferencias significativas entre las variables DE, EI, EEX, PUS, CJ, PSFU, NTS y DU, en el caso del DP, a pesar de no presentar diferencias significativas entre los genotipos, se introdujo en los análisis debido a que es un componente del tamaño del fruto.

La prueba de comparación de medias de Tukey (Tab.4) para el PF no mostró diferencias significativas entre los genotipos. Los PF oscilan entre 79,96 y 168,98 g. Según la norma ICONTEC NTC 4105 (ICONTEC, 1997; Bernal y Díaz, 2003)el promedio menor corresponde a un calibre D con un y el dato mayor al calibre A. El 27% de los genotipos se ubica en calibre A (≥129 g), el 49% en calibre B (118-128 g), el 22% en calibre C (99-117 g)y el 1% a calibre D (83-98g).

En cuanto al DE (Tab.4), el genotipoCBc039xCBb01 presentó (59,96 mm) según la norma ICONTEC NTC 4105 (ICONTEC, 1997) se ubicó dentro del calibre B (55-60mm), presentando diferencias significativas solo con el promedio más bajo que corresponde al CBb03xCBb75 con un DE 45,90 mm (Calibre E = ≤ 45 mm). Los demás tratamientos, no presentaron diferencias significativas, cuyo DE osciló entre 45,99 y 57,57 mm con calibres que van desde E hasta A (Bernal y Díaz, 2003).

En CJ (Tab.4), el genotipoCBi49xCBu88 alcanzó el mayor promedio (52,58 mL) presentó diferencias significativas únicamente con el tratamiento CBi51xCBl78 (22,41 mL). Entre los demás tratamientos no se presentaron diferencias significativas. Su CJ osciló entre 26,25 y 49,5 mL, esto significa que para obtener un litro de jugo en el caso del genotipoCBi49xCBu88, se necesitan 19 frutos y para CBi51xCBl78 se necesitan 44 frutos.

Tabla 3. Cuadrados medios del ANDEVA para las variables asociadas a la calidad del fruto detomate de Árbol (*C. betacea*)bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

FV	GL	PF	DE	EI	EEX	PUS	CJ	PSFU	NTS	DU
Bloques	1	1394,62	5,17	90,54	2,22	224,01	0,29	0,39	818,06	2,93
Genotipos	80	505, 56 ns	16,67*	9,44*	1,47*	154,69*	61,14*	0,26*	10371,81*	6,05*
Error	80	370,83	10,12	5,28	0,98	90,91	38,99	0,14	5192,00	3,90
MEDIA		102,02	52,13	40,62	5,63	48,58	36,39	2,08	337,55	6,02
C.V		17,50	6,10	5,66	17,63	19,63	17,16	18,08	21,35	32,79

ns = no existen diferencias significativas.* Significativo a un α de 0,05. DE = diámetro ecuatorial, EI =espesor interno, EEX =espesor externo, CJ = contenido de jugo, PSFU = peso de la semilla del fruto, NTS = numero total de semilla y DU =dureza

Tabla 4. Prueba de comparación de medias de Tukey para las variables peso de fruto (PF), diámetro externo (DE) y contenido de jugo (CJ) en tomate de árbol (*C. betacea*) bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

PF		DE		CJ	
Genotipo	**Media**	**Genotipo**	**Media**	**Genotipo**	**Media**
CBp19	168,98	CBc039xCBb01	59,96 A	CBi49xCBu88	52,59 A
CBi49xCBu88	143,08	CBc12xCBb73	57,57 AB	CBunt1305xCBl78	49,50 AB
CBp25xCBsj38	137,52	CBc044xCBg70	57,0 AB	CBp19xCBc95	46,66 AB
CBc044xCBg70	136,22	CBi49xCBu88	56,79 AB	CBl81	44,75 AB
CBp19xCBc95	134,52	CBp19xCBu94	56,28 AB	CBp25xCBsj38	44,17 AB
CBi49xCBsj35	132,25	CBp25xCBsj38	56,23 AB	CBsb01xCBsb01	44,0 AB
CBc12xCBb73	131,85	CBp25xCBu86	56,06 AB	CBcon74xCBl79	43,54 AB
CBp19xCBu94	131,57	CBsb01	55,96 AB	CBc044xCBg70	43,50 AB
CBsb01	130,66	CBc042xCBco46	55,91 AB	CBp25xCBf89	43,42 AB
CBc044 x CBsj35	129,98	CBc044xCBu88	55,90 AB	CBp19xCBu94	43,33 AB
CBc14xCbc15	86,85	CBunt1305xCBl78	47,39 AB	CBa09xCBb75	29,09 AB
CBa09xCBb75	86,26	CBi51xCBl78	46,48 AB	CBcon33xCBu87	26,83 AB
CBunt1305xC-Bl78	85,74	CBc14xCbc15	46,42 AB	CBb04xCBco40	26,34 AB
Cbi51xCBl78	84,69	CBc14xCBu84	45,99 AB	CBp19	26,25 AB
CBb03xCBb75	79,96	CBb03xCBb75	45,9 B	CBi51xCBl78	22,42 B
Tukey (0,05)					

Medias con diferente letra son estadísticamente diferentes

En la variable BX (Tab.5) no se presentaron diferencias significativas entre genotipos. Los BX oscilan entre 7,87 y 11,32. Sin embargo, el 90% de los genotipos evaluados se encuentra entre el rango de 8,5 - 9,9 correspondiente a los estados de maduración 4 y 5 de la norma NTC 4105 (ICONTEC, 2997, Bernal y Díaz, 2003).

La prueba de comparación de medias para NTS (Tab.5) indica que el genotipoCBu82xCBl77 alcanzó el mayor promedio con 498,79 semillas, seguido de CB con 74xCBc039(NTS=492,62). Los menores valores los obtuvieron los genotipos CBb03xCBb75 (NTS=170,14) y CBu82xCBb01(NTS=135,9). Se debe tener en cuenta para la selección aquellos genotipos con menor NTS por fruto, debido a que es un carácter importante para procesos de transformación agroindustriales. Los demás no presentaron diferencias significativas, su NTS osciló entre 196,76 y 448,81.

Tabla 5. Prueba de comparación de medias de Tukey para las variables grados brix (BX) y número total de semillas por fruto (NTS), en tomate de árbol (*C .betacea*)bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

BX		NTS	
Genotipo	**Media**	**Genotipo**	**Media***
CBsb01	11,32	CBu82xCBl77	498,79 A
CBp25xCBf89	10,82	CBcon74xCBc039	492,62 A
CBb02xCBu84	10,56	CBl81	448,81 AB
CBl80xCBb73	10,45	CBcon33xCBu87	440,52 AB
CBsj36xCBu87	10,28	CBp25xCBsj38	438,07 AB
CBco46	10,16	CBcon33xCBcon34	437,63 AB
CBcon74xCBl79	10,13	CBl81xCBi50	434,58 AB
CBl80	10,10	CBco46	432,85 AB
CBb08xCBsj38	10,07	CBco42	432,70 AB
CBb03xCBu88	9,99	CBp19xCBu87	422,05 AB
CBb06xCBl77	8,59	CBc11xCBc95	210,93 AB
CBb04xCBc15	8,54	CBco42xCBu65	202,66 AB
CBc93xCBc046	8,34	CBb04xCBco40	196,76 AB
CBp25xCBsj38	8,27	CBb03xCBb75	170,14 B
CBcon33xCBu94	7,87	CBu82xCBb01	135,90 B
Tukey (0,05)			

*Medias con diferentes letras son estadísticamente diferentes

Los coeficientes de correlación fenotípica (rF), genética (rG) y ambiental (rE) están registrados en laTab.6. Con pocas excepciones, los rG fueron ,en términos generales, de mayor magnitud que los rF. Resultados similares fueron encontrados por Espitia *et al*. (2008) y Aramendiz *et al*.(2008)en algodón y berenjena, respectivamente.

Los resultados obtenidos, indican un rG positiva entre PF y PUS (0,90*), evidenciándose una acción genética común entre estas dos variables, lo cual podría facilitar el proceso de selección, dado que el proceso se haría por cualquiera de las dos .El rF, en algunos casos, es ligeramente menor que el rG (rG_{DEvsEI} = 0,75*;rF_{DEvsEI} = 0,70*). Esto, explica la importancia del grado de relación entre estas dos variables, mientras que el valor de la rE_{DEvsEI} (0,66*) sugiere que el efecto del ambiente es determinante a la hora de la manifestación fenotípica de estos caracteres (Vallejo *et al.*, 2011; Tab4). Según Searle (1961), una correlación fenotípica menor que la genética y simultáneamente una ambiental positiva, solamente ocurre cuando los genes que gobiernan las dos variables son similares.

Los rF y rG entre PF y CJ, NTS y DU no fueron significativos, pero si se observó una rG positiva y significativa con PSFU (0,63*),EI(0,74*), DP(0,79*), DE(0,84*) y PUS(0,90*). Estas

magnitudes de correlación genética positivas, indican que la selección por PF produce un incremento en los caracteres anteriormente mencionados (Tab.6).

La rG entre DE y las variables PUS (0,83*) y CJ (0,76*) fueron positivos y significativos, esto indica que una selección de frutos por diámetro ecuatorial facilita la obtención de frutos con alto contenido de pulpa mas semilla y contenido de jugo. Las rG entre EI y PUS (0,97*), CJ (0,90*), PSFU (0,98*) y NTS (0,89*) al ser positivas y significativas, indican que frutos con un diámetro interno amplio mejora las características peso de pulpa mas semilla, contenido de jugo, peso de semilla por fruto y número total de semillas.

Otras correlaciones genéticas de interés, son las exhibidas entre PUS con CJ (0,87*) y con PSFU (0,86*). Estas correlaciones positivas y significativas, señalan que una selección por PUS incide de manera directa en el aumento o reducción del CJ y el PSFU. Los rG mayores a 1, como en el caso registrado entre PF y DU (1,30), puede ser explicado por dos situaciones. La primera se puede asumir como una correlación perfecta, o la segunda es que al revisar las varianzas de cada una de las variables involucradas en el análisis de correlación, si una de ellas presenta diferencias o una varianza significativa y la otra no, esta correlación debe desecharse dado que la correlación mide el grado de covariación entre dos variables (Mayo, 1980).

Tabla 6. Correlaciones fenotípicas (rF), genéticas (rG) y ambientales (rE) para ocho caracteres asociados al fruto detomate de árbol(*C. betacea)* bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variables	r's	DE	DP	EI	PUS	CJ	PSFU	NTS	DU
PF	**rF**	0,69*	0,62*	0,60*	0,54	0,35	0,46	0,30	0,41
	rG	0,84*	0,79*	0,74*	0,90*	0,48	0,63*	0,56	1,30
	rE	0,63*	0,56	0,55	0,37	0,29	0,38	0,16	0,02
DE	**rF**		0,51	0,70*	0,59	0,39	0,44	0,29	0,31
	rG		0,76*	0,75*	0,83*	0,76*	0,68*	0,53	0,98*
	rE		0,41	0,66*	0,42	0,17	0,27	0,11	-0,08
DP	**rF**			0,39	0,31	0,23	0,33	0,21	0,49
	rG			0,48	0,41	-0,06	0,43	0,40	1,79
	rE			0,36	0,27	0,36	0,30	0,12	-0,04
EI	**rF**				0,73*	0,57	0,62*	0,48	0,11
	rG				0,97*	0,90*	0,98*	0,89*	0,30
	rE				0,55	0,35	0,32	0,12	-0,01
PUS	**rF**					0,56	0,54	0,37	0,08
	rG					0,87*	0,86*	0,58	0,21
	rE					0,36	0,30	0,21	0,00
CJ	**rF**						0,35	0,31	0,05
	rG						0,57	0,60*	0,21
	rE						0,21	0,11	-0,03
PSFU	**rF**							0,8o*	0,11
	rG							0,95*	0,02
	rE							0,65*	0,17
NTS	**rF**								0,19
	rG								0,23
	rE								0,17

*Correlación significativa a una P<0,05.

Por otra parte, en las Tab.7 y 8 se presentan los análisis de sendero que muestran la descomposición de las correlaciones fenotípicas (rF) y correlaciones genéticas (rG) para el PF, en su orden. En la diagonal y en negrilla aparecen los efectos directos y fuera de la diagonal los indirectos. Se observa que el coeficiente de determinación (R^2) en el análisis de sendero para rG indica que el 91% de la variabilidad del PF estuvo explicada por las variables DE, DP, EI, PUS y PSFU, lo cual, indica un buen ajuste del modelo y la importancia de las variables explicativas en la definición del PF (Espitia *et al.*, 2008).El R^2 del análisis de sendero con base en las correlaciones fenotípicas fue del 61% (Tab.7), considerado alto.

En el análisis de sendero fenotípico, las variables con mayor efecto directo sobre el PF fueron DE y DP con valores de 0,30 y 0,26 y en el genético (Tab 8) fueron DP y EI con valores de 0,74 y 1,63.

En el caso del análisis de sendero para rF (Tab.7), se observa que el efecto directo de DE (0,30) y DP (0,26) sobre el coeficiente de correlación (PF: 0,69 y 0,62 respectivamente), es mayor que los efectos indirectos de las otras variables que se tuvieron en cuenta para el análisis. Al ser positivos (tanto los efectos directos como el coeficiente de correlación), la correlación explica la verdadera relación existente entre estos dos caracteres y una selección directa a través de esta característica será efectiva (Singh y Chaudhary, 1985).

La descomposición de la correlación (rF= 0,60) entre EI y PF (Tab.7) están explicadas en mayor proporción por los efectos indirectos de DE (0,25) que por los efectos directos de la variable EI (0,10). Esto indica que la correlación significativa y directa existente entre EI y PF, se debe en mayor proporción a la influencia indirecta, a través de DE.

Con base en el primer análisis de sendero (Tab.7) se puede inferir que la selección de frutos con mayor DE y DP permite la obtención de frutos más pesados y con mayor EI, PUS y PSFU.

Tabla 7. Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función del diámetro Ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas Semilla (PUS), peso de semilla del fruto (PSFu) en tomate de árbol (*C. betacea),*bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variables	**CORRELACIONES FENOTIPICAS**								**rF**
	DE	**DP**	**EI**	**PUS**	**CJ**	**PSFu**	**NTS**	**DU**	**con PF**
DE	**0,30**	0,13	0,11	0,07	-0,004	0,07	-0,03	0,05	0,69*
DP	0,15	**0,26**	0,06	0,04	-0,002	0,05	-0,02	0,08	0,62*
EI	0,21	0,10	**0,15**	0,09	-0,006	0,10	-0,05	0,02	0,60*
PUS	0,18	0,08	0,11	**0,12**	-0,006	0,09	-0,04	0,01	0,54
CJ	0,12	0,06	0,09	0,07	**-0,010**	0,06	-0,04	0,01	0,35
PSFu	0,13	0,09	0,09	0,07	-0,004	**0,16**	-0,09	0,02	0,46
NTS	0,09	0,05	0,07	0,04	-0,003	0,13	**-0,11**	0,03	0,30
DU	0,09	0,13	0,02	0,01	-0,001	0,02	-0,02	**0,17**	0,41
	R^2 = 0,61		**h = 0,62**						

* Significativo al 5%

En el análisis de sendero para correlaciones genéticas (Tab.8) los efectos directos de las variables DE, PUS y NTS sobre el PF son negativos (-0,26, -0,36 y -0,94, respectivamente), por lo tanto, el valor de la correlación se le atribuye a los efectos indirectos de las otras variables. En esta situación los factores causales indirectos son considerados simultáneamente para los procesos de selección (Singh y Chaudhary, 1985).

Se puede inferir que el efecto directo del EI (1,63) sobre el PF (rG_{EIvPF} =0,74), en el análisis de sendero genético (Tab. 8) es mayor que los efectos indirectos de las otras variables. Además, la variable EI está participando como efecto indirecto en los demás coeficientes de correlación, pero presenta un mayor valor que los efectos directos de cada variable.

Tabla 8. Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función del diámetro Ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas Semilla (PUS), peso de semilla del fruto (PSFu) en tomate de árbol (*C. betacea),*bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia

Variables				**CORRELACIONES GENETICAS**					**rG**
	DE	**DP**	**EI**	**PUS**	**CJ**	**PSFu**	**NTS**	**DU**	**con PF**
DE	**-0,26**	0,56	1,23	-0,30	0,10	0,02	-0,50	-0,0071	0,84*
DP	-0,20	**0,74**	0,78	-0,15	-0,01	0,01	-0,37	-0,0131	0,79*
EI	-0,20	0,36	**1,63**	-0,35	0,12	0,02	-0,84	-0,0022	0,74*
PUS	-0,22	0,31	1,58	**-0,36**	0,11	0,02	-0,54	-0,0015	0,90*
CJ	-0,20	-0,04	1,46	-0,32	**0,13**	0,01	-0,56	-0,0015	0,48
PSFu	-0,18	0,32	1,60	-0,31	0,07	**0,02**	-0,89	-0,0001	0,63
NTS	-0,14	0,30	1,45	-0,21	0,08	0,02	**-0,94**	-0,0017	0,56
DU	-0,26	1,33	0,50	-0,07	0,03	0,00	-0,21	**-0,0073**	1,30
	R^2 = 0,91		**h = 0,29**						

* Significativos al 5%

CONCLUSIONES

El peso de fruto no presentó diferencias significativas según el análisis de comparación de medias de Tukey. El mayor contenido de jugo lo presento el genotipo CBi49xCBu88.

El peso del fruto está asociado a las variables peso de pulpa más semilla y diámetro ecuatorial, con los cuales obtuvo valores altos de correlación genética. Por otro lado, las variables diámetro ecuatorial y diámetro polar presentaron altos coeficientes de correlación fenotípica y están asociadas al peso del fruto. En el análisis de sendero para correlaciones fenotípicas, las variables que mayor efecto directo tienen sobre el peso del fruto fueron diámetro ecuatorial y diámetro polar. Para las correlaciones genéticas, la selección por peso del fruto genera un incremento en el espesor interno y el diámetro polar, debido al mayor efecto directo de estas variables sobre el mismo.

BIBLIOGRAFÍA

AGROCADENAS. 2008. Análisis - Estadísticas. En línea. 2008. Disponible en <http:// www.Agronet.gov.co /Agronetweb/ AnalisisEstadisticas/ tabid/73/Default.aspx>. Consulta: 1 de marzo de 2011.

ARAMENDIZ, H. CARDONA, C. ESPITIA, M. CADENA, J. y CORREA, E. 2008. Correlaciones fenotípicas, ambientales y genéticas en Berenjena. Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Agrícolas. Montería -Colombia. 15 p.

BERNAL J. y DÍAZ, C. 2003. Tecnología para el Cultivo de tomate de árbol. Corpoica. Manual Técnico 3., Rio Negro, Antioquia. p. 12-20.

CRUZ, C. 2006. Programa GENES. Versão Windows. Aplicativo Computacional em Genética e Estatística. Editora UFV. Universidade Federal de Viçosa. Disponible en:www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm.Consulta: 12 de Marzo de 2011.

CRUZ, C. 2001. Programa genes. Versao Windows. Aplicativo computacional em genética e estatística. Ediciones Universidade Federal de Vicosa. Vicosa, MG, Brasil. 648 p.

CRUZ, C. REGAZZI, C.1997. Modelos biométricos aplicados aomelhoramento genético. 2ª ed. Ediciones Universidade Federal de Vicosa. Vicosa, MG, Brasil. 390 p.

DE CARVALHO, C. RODRIGUES, V. CRUZ, C. DIAS, V. 1999. Analise de trilhasobmulticolinearidade em pimentão. Pesquisa Agropec. Brás. 34(4):603-613.

ESPITIA, M. ARAMENDIZ, H. CADENA, J. 2008. Correlaciones y Análisis de sendero en Algodón *Gossypiumhirsutum* L. en el Caribe Colombiano. Revista Facultad Nacional de Agronomía – Medellín, Vol. 61. No. 1. Universidad Nacional de Colombia 4325- 4335 p.

FALCONER, D. MACKAY, T. 1996.Introduction to quantitative genetics.4th edition.Prentice Hall, New Jersey, USA, 464 p.

GALVIS, A. 1992. Tecnología de manejo de postcosecha de frutas y hortalizas: Sección de vegetales. Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos (ICTA), Universidad Nacional de Colombia. Bogota. p. 12-14.

HALLAUER, A.MIRANDA, J. 1981. Quantitative genetics in maize breeding.Lowa State University Press, Ames, IA, 468 p.

ICONTEC. INSTITUTO COLOMBIANO DE NORMAS TECNICAS. 1997. Norma técnica Colombiana NTC 4105: Frutos frescos. Tomate de árbol. Especificaciones. Bogotá, ICONTEC. CENICAFE. 15p.

INGALE, B. PATIL, S. 1995. Correlations and path analysis in brinjal.Indian J. Hort. 52(1):55-59.

KEMPTHORNE, O. Y CURNOW, R.N. 1961. The partial diallel cross. Biometrics.17: 229-250.

LENTINI, Z. 2001. Conservación y Transformación Genética de Lulo (Solanum quitoense) y Tomate de Árbol (*Cyphomandra betacea*). CIAT-centro Internacional de Agricultura Tropical. Valle del Cauca. Colombia. 24 p.

LOBO, M. 2001. Tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Sendt), frutal promisorio para la diversificación del agro andino. FONTAGRO, Colombia. Disponible en: http://agris.fao.org/agris-search/search/display.do?f=2008/EC/EC0801.xml;EC2007000309. Citado 1 Junio, de 2011.

MARIOTTI, J. 1986. Fundamentos de genética biométrica. Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos, Washington, D. C. 152 p.

MAYO, O. 1980.The theory of plant breeding.Oxford University. Clarendon Press. 293p.

SEARLE, S. 1961. Phenotypic, Genetic and environmental correlations. Biometrics 22:187-191.

SINGH, R. y CHAUDHARY, D. 1985. Biometrical Methods in quantitative Genetic Analysis.Path-Analysis.New Delhi, Ludhiana.78 p.

VALLEJO, F., ESPITIA, M., ESTRADA, E., RAMIREZ, H. 2011. Genética Vegetal. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales. Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. 294-304 p.

VENCOVSKY, R. y BARRIGA, P. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Sociedad Brasileira de Genética, Brasil. 496 p.

WRIGHT, S. 1921. Correlations and causation.J.Agr. Res. 20:557-585.